

## PROGRAMMA DEL CORSO

<b>13. ottobre</b>					
<b>Sessione 1</b>	<b>08.50</b>	<b>11.00</b>	<b>Plenaria</b>	<b>Introduzione alla proteomica e tecnica della 2D-IPG</b>	
	08.50	09.30		Benvenuto e Introduzione alla Proteomica	Ida Pucci Minafra
	09.30	11.00		Teoria 2D-IPG e preparazione dei campioni	Simona Fontana
<b>Sessione 2</b>	<b>11.00</b>	<b>13.00</b>	<b>Gruppi</b>	<b>Allestimento corsa elettroforetica</b>	
	11.00	12.00		Caricamento prima dimensione	Patrizia Cancemi
	12.00	13.00		Assemblaggio gel caster	Marilisa Barranca
<b>Sessione 3</b>	<b>15.00</b>	<b>18.00</b>	<b>Gruppi</b>	<b>Metodi di sequenziamento delle proteine</b>	
	15.00	16.00		HPLC di frammenti peptidici	Salvatore Minafra
	16.00	17.00		Microsequenziamento secondo la metodica di Edman	Simona Fontana
	17.00	18.00		La spettrometria di massa	Marco Biglietto
<b>14. ottobre</b>					
<b>Sessione 4</b>	<b>09.00</b>	<b>10.30</b>	<b>Plenaria</b>	<b>Tecniche di rivelazione degli spot proteici</b>	
	09.00	09.30		Rivelazione con sali d'argento	Patrizia Cancemi
	09.30	10.00		Rivelazione mediante western blot	Marilisa Barranca
	10.00	10.30		Rivelazioni enzimatiche tramite zimografia bidimensionale	Giampiero La Rocca
<b>Sessione 5</b>	<b>10.30</b>	<b>13.00</b>	<b>Gruppi</b>	<b>Allestimento corsa elettroforetica</b>	
	10.30	13.00		Caricamento seconda dimensione	Monica Giungi
<b>Sessione 6</b>	<b>15.00</b>	<b>15.30</b>	<b>Plenaria</b>	<b>Analisi computerizzata delle mappe proteomiche</b>	
	15.00	16.00		Teoria software d'analisi Melanie e utilizzo banche dati	Simona Fontana
<b>Sessione 7</b>	<b>16.00</b>	<b>18.00</b>	<b>Gruppi</b>	<b>Applicazione pratica del software Melanie</b>	
	16.00	18.00		Analisi qualitativa delle mappe proteomiche	Cancemi, Barranca, Giungi
<b>15. ottobre</b>					
<b>Sessione 8</b>	<b>09.00</b>	<b>13.00</b>	<b>Gruppi</b>	<b>Applicazione pratica del software Melanie</b>	
	09.00	13.00		Analisi quantitativa delle mappe proteomiche	Cancemi, Barranca, Giungi
<b>Sessione 9</b>	<b>15.00</b>	<b>18.00</b>	<b>Plenaria</b>	<b>Analisi statistica dei dati</b>	
	15.00	15.30		Sistemi di elaborazione dell'informazione	Marco Milazzo
	15.30	16.30		Sistemi di elaborazione dell'informazione	Marco Milazzo
	16.30	17.00		Metodi biostatistici	Vito Di Gesù
	17.00	18.00		Metodi biostatistici	Vito Di Gesù
<b>16. ottobre</b>					
<b>Sessione 10</b>	<b>09.00</b>	<b>12.00</b>	<b>Plenaria</b>	<b>Esempi di applicazioni proteomiche alla clinica</b>	
	09.00	09.40		Modulazione del proteoma fibroblastico nell'invecchiamento	Daniela Quaglino
	09.40	10.20		Comparazione tra colorazione convenzionale e in fluorescenza nella distrofia muscolare	Cecilia Gelfi
	10.20	11.00		Correlazione Proteomica-Genomica nel cancro	Salvatore Feo
	11.00	12.00		Discussione Generale	Ida Pucci Minafra
<b>Sessione 11</b>	<b>16.00</b>	<b>16.30</b>	<b>Plenaria</b>	<b>Area post-genomica e terapia</b>	
	16.00	16.30		L'impatto delle biotecnologie in ambito terapeutico	Enrico Garattini